

Marek Trella¹, Dorota Fopp-Bayat², Mirosław Szczepkowski³, Agnieszka Polak

¹Zakład Bioekonomiki Rybactwa, Instytut Rybactwa Śródlądowego w Olsztynie

²Katedra Ichtiologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

³Zakład Hodowli Ryb Jesiotrowatych, Instytut Rybactwa Śródlądowego w Olsztynie

Charakterystyka genetyczna siei (*Coregonus lavaretus*, Linnaeus, 1758) z Jeziora Wisztynieckiego przy zastosowaniu markerów mikrosatelitarnego DNA

Wstęp

Sieja należy do grupy najcenniejszych gatunków, będących przedmiotem rybackiego gospodarowania w jeziorach Polski. Jej wartość jest związana zarówno z walorami biologicznymi, jak i gospodarczymi w użytkowaniu rybacko-wędkarskim (Wołos i Mickiewicz 1998). Pogarszające się warunki środowiskowe oraz intensywne eksploatacja rybacka doprowadziły do drastycznego zmniejszenia liczebności wielu populacji siei. W nadmierne zeutrofizowanych zbiornikach, możliwości przeżycia złożonej ikry są ograniczone, to z kolei ogranicza szanse na naturalny rozród tych ryb (Fopp-Bayat 2010). Efektem jest obserwowany od wielu lat regres gospodarki siejowej, widoczny w spadających odłowach tego gatunku w polskich jeziorach. Od roku 1978, kiedy to zanotowano najwyższy w statystykach połowowych wynik 100,1 tony, obserwujemy pogłębiającą się tendencję spadkową odłowów siei (Falkowski 1994). W ostatnich latach odłowy rybackie spadły z wielkości 28,5 ton w 2000 roku do symbolicznego poziomu 4,39 tony w roku 2010 (rys. 1). Obserwuje się również zmniejszenie wielkości zarybień sieją, spowodowane małą dostępnością i wysoką ceną materiału zarybieniowego, a także niską ich efektywnością (tab. 1). W jeziornoj gospodarce rybackiej preferowany jest drugi gatunek koregonidów – sielawa, w przypadku której uzyskuje się

lepsze efekty zarybień (tab. 1), a nakłady na zarybienia zwracają się w krótszym czasie. Wszystkie wyżej wymienione czynniki mogą w konsekwencji doprowadzić do całkowitego zaniechania gospodarowania sieją (Falkowski 2004, Zacharczyk 2007, Mickiewicz 2010).

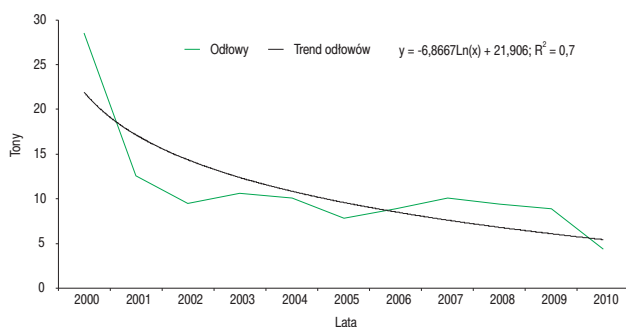
TABELA 1

Średnie ceny różnych form materiału zarybieniowego siei i sielawy oraz współczynnik efektywności zarybień (Mickiewicz 2010, 2012)

Forma materiału zarybieniowego	Średnia cena (zł/tys. szt.)
Sieja wylęg	23,10
Sieja narybek letni	410,33
Sieja narybek jesienny	165,46
Sielawa wylęg	4,46
Sielawa narybek letni	35,79

Gatunek	Współczynnik efektywności zarybień (zł/ha odłowu/ zł/ha zarybienia)
Sieja	0,45
Sielawa	2,09

Reakcją na negatywne zmiany było opracowanie projektów mających na celu ochronę wybranych populacji siei; na przykład „Ochrona autochtonicznej populacji siei wędrowniej jeziora Łebsko” przy finansowym wsparciu Fundacji EkoFundusz, Narodowego Funduszu Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej oraz Wojewódzkiego Funduszu Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej w Gdańsku oraz „Ichtiologiczna bioróżnorodność jezior – wypracowanie modelu rozwiązywania problemów na przykładzie zasobów naturalnych autochtonicznej siei wędrowniej w jeziorze Łebsko (siei łebskiej)”, współfinansowany z funduszy Mechanizmu Finansowego Europejskiego Obszaru Gospodarczego. Podjęto także działania w celu zachowania populacji siei szlachetnej w jeziorach Pojezierza Mazurskiego i Suwalskiego (Szczepkowski i in. 2010). Po wstępnych analizach do dalszych prac wytypowano dwie populacje siei z Jeziora Wisztynieckiego (Repu-



Rys. 1. Trend odłowów siei w latach 2000-2010 (Leopold i Wołos 2001, 2002, Wołos i in. 2003, 2004, 2005, 2006, 2007, 2008, 2009, 2010, 2011).

blika Litewska) i jeziora Gaładuś (Pojezierze Suwalskie). Populacja siei z Jeziora Wisztynieckiego uważana jest za bardzo cenną, z uwagi na to, że jest to populacja nieeksploatowana gospodarczo. Jezioro Wisztynieckie stanowi matecznik tego gatunku, w którym odłowy są prowadzone wyłącznie w celach reprodukcyjnych. Uzyskany materiał zarybieniowy był wykorzystywany do odtworzenia populacji siei w wybranych jeziorach m.in. w Jeziorze Białym Wigierskim (Osewski 2006).

Ostatnio zaczęto prowadzić prace nad stworzeniem hodowlanych stad tarłowych. Prace te są prowadzone w dwóch ośrodkach: Zakładzie Hodowli Ryb Jesiotrowatych w Pieczarkach i Ośrodku Zarybieniowym w Gawrych Rudzie (Szczepkowski i in. 2010). Corocznie stada tarłowe są uzupełniane o materiał pochodzący od dzikich tarlaków z Jeziora Wisztynieckiego i jeziora Gaładuś. Dla zachowania kontroli stada, znakuje się nowo wprowadzane tarlaki elektronicznymi znaczkami umożliwiającymi przyżyciową identyfikację ryb (Wunderlich i in. 2007).

Podczas produkcji materiału zarybieniowego wprowadzanego do wód otwartych, należy zwrócić uwagę na charakterystykę genetyczną populacji zamieszkującej zarybiany zbiornik lub ciek. Takie prace muszą przebiegać w powiązaniu z monitoringiem genetycznym, w celu utrzymania pożądanej struktury genetycznej populacji. Używanie podczas zarybień narybku, pochodzącego od niewielkiej liczby tarlaków stanowi poważne zagrożenie dla kondycji stada. Potomstwo to może wywodzić się od osobników blisko spokrewnionych, co wiąże się z dużym ryzykiem inbredowania, a w konsekwencji zubożeniem puli genowej populacji (Fraser 2008, Leberg i Firmin 2008, Fopp-Bayat 2010). U zimbredowanych osobników często dochodzi do obniżenia wartości cech, m.in. obniżenia płodności, spadku odporności na choroby, zahamowania wzrostu. Zjawisko to nosi nazwę depresji inbredowej. Przyczyn występowania tego zjawiska należy szukać w zmniejszeniu heterozygotyczności, co doprowadza do ujawnienia genów recesywnych (Strabel 2006, Fopp-Bayat 2010).

Zmienność genetyczną analizuje się przy użyciu markerów molekularnych. Typowym przykładem markerów stosowanych do badania zróżnicowania genetycznego są loci DNA mikrosatelitarnego. Stosując tego typu analizy można zbadać aktualną strukturę genetyczną populacji lub stada ryb. Jednocześnie można określić podobieństwo pomiędzy różnymi populacjami, jak również pomiędzy osobnikami z jednego stada (Fopp-Bayat 2010). Dodatkową zaletą tej metody jest jej bezinwazyjność. Do wykonania analiz wystarczy fragment płetwy, skóry lub tuski. Można zatem pobierać próby przyżyciowo, nie narażając się na stratę cennych selektów czy tarlaków (Fopp 2001).

Celem pracy była analiza zmienności genetycznej siei z Jeziora Wisztynieckiego przy zastosowaniu markerów

mikrosatelitarnego DNA. Badanie te są pierwszymi badaniami genetycznymi tej populacji w tym zbiorniku.

Materiał i metody

Materiał badawczy stanowiły zasuszone fragmenty płetw, pobrane od 40 osobników siei z Jeziora Wisztynieckiego, umieszczone w papierowych kopertach. W celu wyizolowania DNA wycinano fragment płetwy o wielkości ok. 1 mm². Każdy taki fragment umieszczano w 500 µl 10% roztworu Chelex 100 (Chelex 100 Resin Bio-Rad). Następnie sporządzano roztwór (100 mg proteinazy K, 10 ml 50% glicerolu, 50ml 1M CaCl₂), który dodawano do uprzednio przygotowanego 10% Chelexu 100 w ilości 10 µl na próbę. Próby płetw w wyżej opisanym roztworze, wytrząsano 3 godziny w temp. 55°C z prędkością 200 obr./min, dodatkowo wortexowano próby co 15 minut, w celu przyspieszenia lizy komórek. Po trzech godzinach inkubacji próby wirowano w wirówce przez 10 min przy obrotach 2000 rpm. Po wirowaniu pobierano górną fazę próbki, tak aby nie zebrać dolnych stałych warstw z otrzymanego produktu i przechowywano w 4°C do czasu przeprowadzenia reakcji PCR. Jakość oraz ilość wyizolowanego DNA sprawdzano elektroforetycznie w 2% żelu agarozowym (Promega), wybarwionym bromkiem etydydy w obecności markera w buforze TBE (89 mM Tris-borate, pH 8,3). Marker wielkości stanowiła mieszanina alleli mikrosatelitarnych siei, dla których długość powielanych fragmentów mieściła się w przedziale od 200 do 300 par zasad (na żelu obserwowana jako pojedynczy prążek).

Po izolacji DNA, w celu amplifikacji wybranych fragmentów mikrosatelitarnego DNA, przeprowadzano reakcję PCR zgodnie z publikowanymi warunkami reakcji dla loci *Cocl-Lav8*, *Cocl-Lav28*, *Cocl-Lav61* (Rogers i in. 2004) i *BWF1* (Patton i in. 1997). W tabeli 2 prezentowane są sekwencje starterów analizowanych fragmentów DNA.

TABELA 2

Sekwencje starterów reakcji PCR analizowanych fragmentów DNA

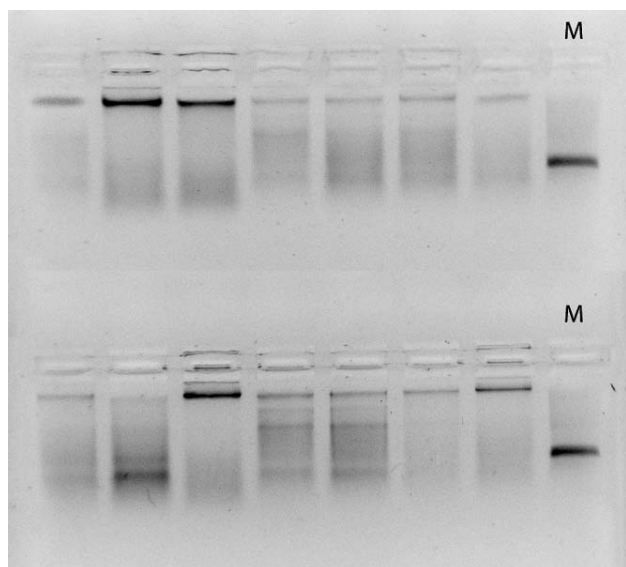
Nazwa locus	Sekwencje starterów DNA, F-starter wiodący i R-starter odwrotny	Literatura
<i>Cocl-Lav8</i>	F-GCTGGAGCCACATGACATTA R-ATGTTTTCCATTGCCAGA	Rogers i in. 2004
<i>Cocl-Lav28</i>	F-ACAATAGCAGGCCATTGAG R-CCAATCTTCAAAGCCATTTC	Rogers i in. 2004
<i>Cocl-Lav61</i>	F-CTCATGAGTAACATGATGCTTC R-GATCTTTACTGTCTGATTTGTG	Rogers i in. 2004
<i>BWF1</i>	F-TACAGAGAAATACACACAACGCATCAA R-GAGAGGTCCATTACTGAGCAC	Patton i in. 1997

W celu identyfikacji produktów reakcji PCR przeprowadzono elektroforezę prób w 4% żelu agarozowym (Promega). Elektroforezę prowadzono w roztworze buforującym TBE (0,5 M EDTA, pH 8,5) przy napięciu 82 V, natężeniu 400 mA i mocy 400 W, przez 2,5 godziny. Do przeprowadzenia elektroforezy użyto zestawu Bio-Rad. Elektrofo-

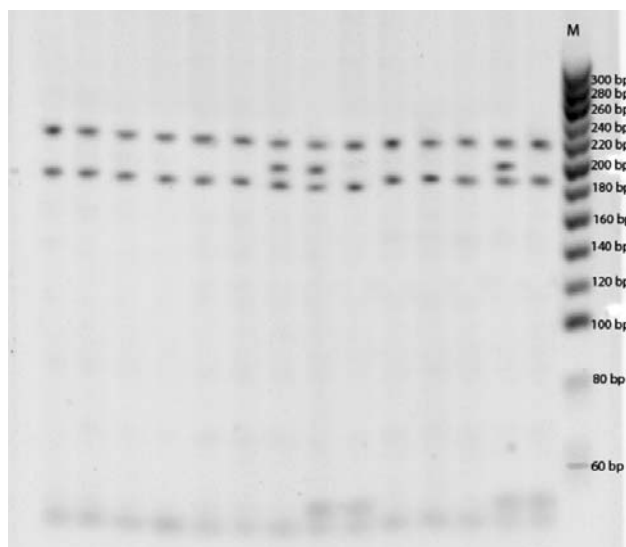
regramy obserwowane w świetle ultrafioletowym zapisywano w formie zdjęcia cyfrowego, a pomiar długości łańcuchów DNA uzyskanych alleli prowadzono w programie Gelix one 220v. Długość alleli oceniano na podstawie wzorca masowego (20 bp DNA Ladder O'RangeRuler, Fermentas). Przy zastosowaniu oprogramowania Microsatellite Tool Kit (Park 2001) obliczono heterozygotyczność obserwowaną, heterozygotyczność oczekiwaną oraz wskaźnik polimorficzności loci (PIC).

Wyniki

Materiał genetyczny wyizolowano ze wszystkich 40 osobników siei z Jeziora Wisztynieckiego. Rysunek 2 przedstawia rezultaty izolacji DNA dla 14 osobników. Produkty amplifikacji uzyskano dla wszystkich analizowanych osobników i loci z wyłączeniem 12 prób dla locus



Rys. 2. Produkty izolacji DNA u 14 osobników siei z Jeziora Wisztynieckiego. M – wzorec masowy (negatyw).



Rys. 3. Segregacja alleli w mikrosatelitarnym locus *Cocl-Lav8* u siei z Jeziora Wisztynieckiego. M – wzorec masowy 20 bp DNA Ladder (O'RangeRuler) (negatyw).

Cocl-Lav8. W związku z czym dalsze analizy dla tego locus prowadzone były w oparciu o wyniki uzyskane dla 28 osobników.

W badanej populacji siei z Jeziora Wisztynieckiego, w obrębie 4 markerów mikrosatelitarnych, zidentyfikowano 78 alleli (17 alleli dla locus *Cocl-Lav61*, 19 dla *Cocl-Lav28* i po 21 dla *BWF1* oraz *Cocl-Lav8*). Rysunki 3-10 przedstawiają rozkład i częstość występowania alleli w obrębie locus *Cocl-Lav8*, *Cocl-Lav28*, *Cocl-Lav61* i *BWF1*.

Zakres długości analizowanych alleli mieścił się w przedziale od 166 do 308 par zasad. Dla locus *Cocl-Lav8* obserwowano allele o długości od 190 do 252 par zasad i najczęściej spotykanymi były allele 190, 196 i 238 (rys. 7). Nieco krótsze fragmenty obserwowano dla locus *Cocl-Lav28* (166-210 par zasad), w tej grupie dominował allel o długości 178 par zasad (rys. 8). Najdłuższymi fragmentami DNA charakteryzował się locus *Cocl-Lav61* (250-308 par zasad), u którego najczęściej obserwowano allele 284 i 290 (rys. 9). Dla locus *BWF1* zakres długości wynosił od 194 do 248 par zasad, a najczęstszym allelem był fragment o długości 210 par zasad (rys. 10). Frekwencja najczęstszych alleli nie przekraczała poziomu równego 0,16.

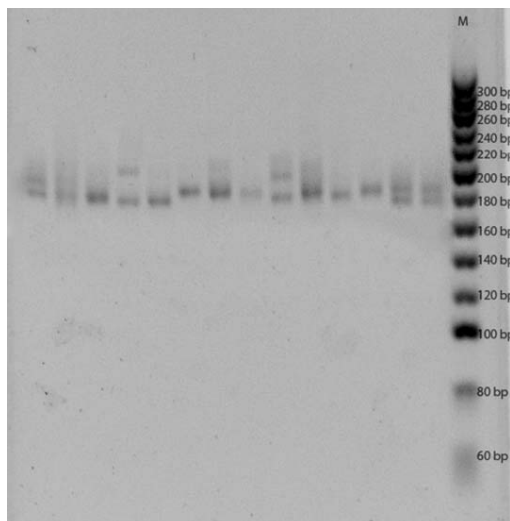
W każdym locus obserwowano wysokie wartości wskaźników heterozygotyczności. Wartości wskaźnika heterozygotyczności oczekiwanej (H_e) były na podobnym poziomie we wszystkich loci, gdzie najwyższą wartość H_e zanotowano w locus *Cocl-Lav8* (0,94), natomiast najniższą w locus *Cocl-Lav61* (0,9). Wartości współczynnika heterozygotyczności obserwowanej (H_o) były na zbliżonym poziomie w loci *Cocl-Lav8*, *Cocl-Lav28*, *Cocl-Lav61* i kształtowały się na poziomie 0,86, natomiast w locus *BWF1* zaobserwowano niższą wartość H_o na poziomie 0,78. Poziom heterozygotyczności obserwowanej był zbliżony do oczekiwanej w każdym locus, tylko w locus *BWF1* odnotowano większą różnicę pomiędzy H_e a H_o . W każdym badanym locus wartości H_o były niższe od wartości H_e (tab. 3).

TABELA 3

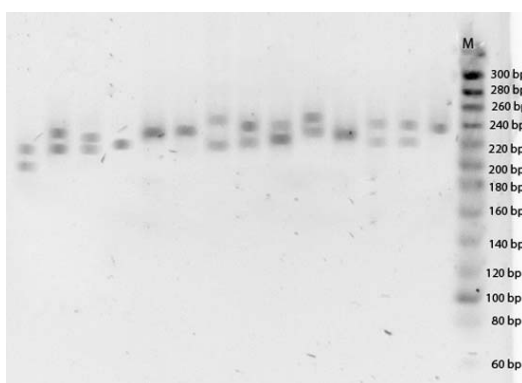
Zakres długości alleli, heterozygotyczność oczekiwana, heterozygotyczność obserwowana, wskaźnik polimorficzności (PIC) obserwowane w mikrosatelitarnych loci u osobników siei z Jeziora Wisztynieckiego

Locus	Zakres długości alleli w parach zasad (bp)	Heterozygotyczność oczekiwana	Heterozygotyczność obserwowana	Współczynnik PIC
<i>Cocl-Lav8</i>	190-252	0,94	0,86	0,89
<i>Cocl-Lav28</i>	166-210	0,92	0,89	0,88
<i>Cocl-Lav61</i>	250-308	0,90	0,85	0,87
<i>BWF1</i>	194-248	0,92	0,78	0,90

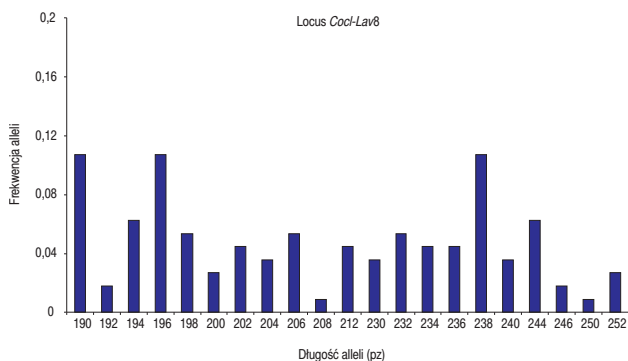
Wartość wskaźnika PIC charakteryzuje stopień zmienności (polimorficzności) danego locus (Botstein i in. 1980, Witek-Zawada i Radko 2006). Otrzymane wartości stopnia polimorfizmu były wysokie we wszystkich loci. Najbardziej polimorficzny był locus *BWF1* (tab. 3).



Rys. 4. Segregacja alleli w mikrosatelitarnym locus *Cocl-Lav28* u siei z Jeziora Wisztynieckiego. M – wzorzec masowy 20 bp DNA Ladder (O'RangeRuler) (negatyw).



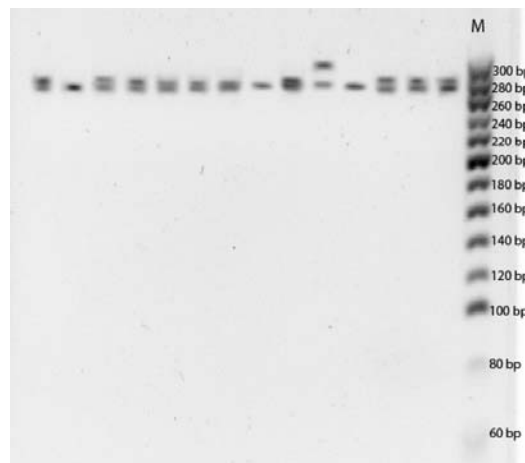
Rys. 6. Segregacja alleli w mikrosatelitarnym locus *BWF1* u siei z Jeziora Wisztynieckiego. M – wzorzec masowy 20 bp DNA Ladder (O'RangeRuler) (negatyw).



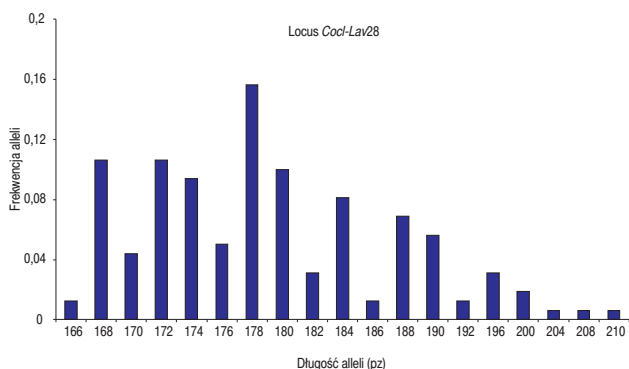
Rys. 7. Frekwencja alleli w analizowanym locus *Cocl-Lav8* u siei z Jeziora Wisztynieckiego.

Dyskusja

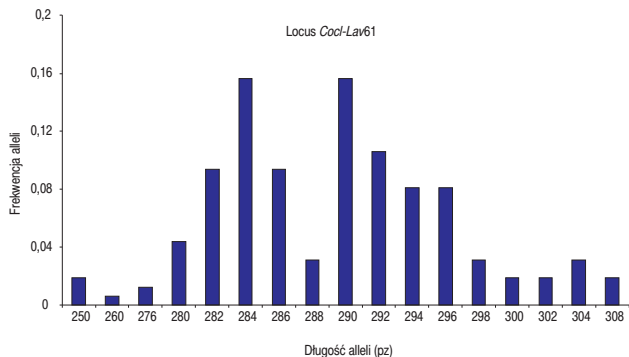
Badania genetyczne są bardzo ważne w przypadku prowadzenia programów hodowlanych i podczas tworzenia stad tarłowych, gdzie głównym kryterium doboru jest zachowanie wysokiego poziomu zmienności genetycznej. Informacje o strukturze genetycznej populacji są istotne przy tworzeniu programów ochrony gatunków i populacji ryb oraz zasad gospodarowania rybami, które są eksplo-



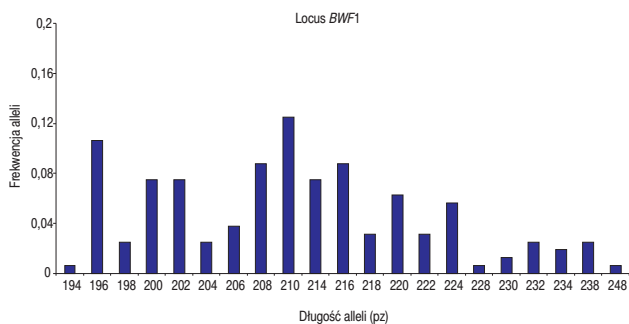
Rys. 5. Segregacja alleli w mikrosatelitarnym locus *Cocl-Lav61* u siei z Jeziora Wisztynieckiego. M – wzorzec masowy 20 bp DNA Ladder (O'RangeRuler) (negatyw).



Rys. 8. Frekwencja alleli w analizowanym locus *Cocl-Lav28* u siei z Jeziora Wisztynieckiego.



Rys. 9. Frekwencja alleli w analizowanym locus *Cocl-Lav61* u siei z Jeziora Wisztynieckiego.



Rys. 10. Frekwencja alleli w analizowanym locus *BWF1* u siei z Jeziora Wisztynieckiego.

atowane gospodarczo (Łuczyński i in. 2003). Monitoring genetyczny pozwala utrzymać zmienność genetyczną stad tartłowych na odpowiednim poziomie (Fopp-Bayat i Wiśniewska 2010).

Współczesne badania nad szacowaniem zróżnicowania genetycznego populacji ryb opierają się, przede wszystkim, na markerach genetycznych mikrosatelitarnego DNA, które wykazują bardzo wysoki poziom zróżnicowania genetycznego (Fopp-Bayat i Ciereszko 2011).

Badania przy zastosowaniu mikrosatelitarnego DNA prowadzono u siei z jezior położonych na terenie Finlandii, opracowując wyniki stwierdzono wysoki poziom zróżnicowania genetycznego (Saisa i in. 2008). Analizę mikrosatelitarnego DNA zastosowano również podczas badania siei z regionu alpejskiego, gdzie po analizie kilku populacji, wynioskowano, że stanowią tę samą formę jeziorową (Douglas i in. 1999).

W Polsce dopiero od niedawna prowadzi się badania nad zmiennością genetyczną tego gatunku na bazie analizy mikrosatelitarnego DNA. W pracach Fopp-Bayat i Wiśniewskiej (2010), na podstawie przeprowadzonych analiz mikrosatelitarnego DNA, stwierdzono wysoki poziom zmienności genetycznej siei z jeziora Łebsko.

Kempton i in. (2010) badali zróżnicowanie genetyczne siei na podstawie mitochondrialnego genu ND-1. W badaniach określono zróżnicowanie u dziewięciu populacji siei (*Coregonus lavaretus*) pozyskanych ze zbiorników wodnych Polski, Szwajcarii oraz Austrii. Analiza haplotypów, uzyskanych z fragmentu mitochondrialnego genomu (ND-1), wykazała najwyższe zróżnicowanie międzypopulacyjne dla populacji siei zamieszkujących jeziora Insko, Miedwie, Marianowo, Wisola, Śremskie, Morzycko oraz Zalew Szczeciński i szwajcarskie jezioro Lucerne (Kempton i in. 2010).

Niniejsza analiza genetyczna stanowi pierwszą charakterystykę molekularną populacji siei z Jeziora Wisztynieckiego. Dotychczas nikt nie opisał zmienności genetycznej tej populacji. Prace nad szacowaniem zmienności genetycznej przy zastosowaniu markerów mikrosatelitarnego DNA siei z Jeziora Wisztynieckiego są badaniami pilotażowymi. Na podstawie wysokich wskaźników polimorficzności w badanych loci (tab. 3) widać, że populacja ta charakteryzuje się wysokim poziomem zmienności genetycznej. Przyszłe badania nad tym gatunkiem powinny być rozszerzone o analizy kolejnych loci mikrosatelitarnego DNA. Dodatkowo należałoby poddać analizie genetycznej inne zagrożone, bądź eksploatowane rybacko populacje, w celu ich porównania. Wszystkie te badania powinny być prowadzone przy użyciu nowszych standaryzowanych metod genotypowania.

Wnioski

1. W wyniku prowadzonych analiz u siei z Jeziora Wisztynieckiego zaobserwowano wysoki poziom polimorfizmu w badanych loci mikrosatelitarnego DNA.
2. We wszystkich badanych loci obserwowano liczne allele, w obrębie 4 markerów mikrosatelitarnych zidentyfikowano 78 alleli.
3. Niniejsza analiza genetyczna stanowi pierwszą charakterystykę molekularną siei z Jeziora Wisztynieckiego i potwierdza wysoką wartość tej populacji dla prac dotyczących zachowania bioróżnorodności siei.

Literatura

- Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. 1980 – Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms – *Am. J. Hum. Genet.*, 32: 314-31.
- Douglas M.R., Brunner P.C., Bernatchez L. 1999 – Do assemblages of *Coregonus* (Teleostei: Salmoniformes) in the Central Alpine region of Europe represent species flocks? – *Mol. Ecol.* 8: 589-603.
- Falkowski S. 1994 – Stan i perspektywy gospodarki sieją – W: Aktualne problemy rybactwa jeziorowego (Red. A. Wotos), Wyd. IRS, Olsztyn: 71-78.
- Falkowski S. 2004 – Sieja (*Coregonus lavaretus* sp.) w gospodarce jeziorowej w 2003 – W: Stan i uwarunkowania funkcjonowania rybactwa w 2003 roku (Red. M. Mickiewicz i A. Wotos), Wyd. IRS, Olsztyn: 41-44
- Fopp D. 2001 – Genetyka jesiotrów. Zastosowanie analizy polimorfizmu mikrosatelitarnego DNA – *Komun. Ryb.* 2: 24-26.
- Fopp-Bayat D. 2003 – Zastosowanie analizy polimorfizmu mikrosatelitarnego DNA do genetycznej identyfikacji ryb jesiotrowatych – *Wydział Ochrony Środowiska i Rybactwa, UWM w Olsztynie*: 84.
- Fopp-Bayat D. 2010 – Zastosowanie analiz genetycznych w ochronie bioróżnorodności siei z jeziora Łebsko – *Biuletyn Naukowy UWM nr 31* (2010): 11-16.
- Fopp-Bayat D., Wiśniewska A. 2010 – Analiza genetyczna siei (*Coregonus lavaretus*) z jeziora Łebsko – zastosowanie analizy mikrosatelitarnego DNA. W: *Rozród, podchów, profilaktyka ryb rzadkich i chronionych oraz innych gatunków*. (Red.) Z. Zakęś, K. Demśka-Zakęś, A. Kowalska, Wyd. IRS, Olsztyn: 65-72.
- Fopp-Bayat D., Ciereszko A. 2011 – Genotypowanie wybranych loci mikrosatelitarnego DNA uzyskanego z pletw i kriokonserwowanego nasienia siei łebskiej (*Coregonus lavaretus*) – W: *Nowe gatunki w akwakulturze - rozród, podchów, profilaktyka*. (Red.) Z. Zakęś, K. Demśka-Zakęś, A. Kowalska, Wyd. IRS, Olsztyn: 91-98.
- Fraser D. 2008 – How well can captive breeding programs conserve biodiversity? A review of salmonids – *Evol. Appl.*, 2: 1-52.
- Kempton J., Kohlmann K., Panicz R., Sadowski J., Keszka S. 2010 – Genetic variability in European populations of *Coregonus lavaretus* (L.): an assessment based on mitochondrial ND-1 gene haplotypes – *Arch. Pol. Fish.* 18: 197-204.
- Osewski M. 2006 – Ochrona ekosystemów wodnych – W: *Analiza działalności Wigierskiego Parku Narodowego w 2006 r.* (<http://www.wigry.win.pl/an2006/index.htm>).
- Leberg P.L., Firmin B.D. 2008 – Role of inbreeding depression and purging in captive breeding and restoration programs – *Mol. Ecol.*, 17: 334-343.
- Leopold M., Wotos A. 2001 – Jeziorowa produkcja rybacka 2000 roku na tle stanu środowiska i uwarunkowań gospodarczych – W: *Wybrane problemy rybactwa w 2000 roku* (Red. A. Wotos), Wyd. IRS, Olsztyn: 7-17.
- Leopold M., Wotos A. 2002 – Jeziorowa produkcja rybacka 2001 roku – W: *Wybrane problemy rybactwa w 2001 roku* (Red. A. Wotos), Wyd. IRS, Olsztyn: 7-17.
- Łuczyński M., Brzuzan P., Jankun M. 2003 – *Genetyka ryb* – Zeszyt 1, Wyd. IRS, Olsztyn: 76.
- Mickiewicz M. 2010 – Intensywność i efektywność zarybnień jezior po okresie transformacji własnościowej w rybactwie – *Praca doktorska, IRS Olsztyn, maszynopis*: 112.
- Mickiewicz M. 2012 – Porównanie średnich cen ryb towarowych i materiału zarybieniowego stosowanych przez podmioty prowadzące gospodar-

- kę rybacką w obwodach rybackich w 2009 i 2011 roku – Komun. Ryb. 1: 2-6.
- Park S.D.E. 2001 – Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection – Dissertation, University of Dublin.
- Patton J.C., Galloway B.J., Fehhelm R-G, Cronin M.A. 1997 – Genetic variation of microsatellite and mitochondrial DNA markers in broad whitefish (*Coregonus nasus*) in the Colville and Sagavanirktok rivers in northern Alaska – Can. J. Fish. Aquat. Sci., 54: 1548-1556.
- Rogers S. M., Marchand M. H., Bernatchez L. 2004 – Isolation, characterization and cross-salmonid amplification of 31 microsatellite loci in the lake whitefish (*Coregonus clupeaformis*, Mitchill) – Mol. Ecol. Not. 4: 89-92.
- Saisa M., Ronn J., Aho T., Bjorklund M., Pasanen P., Koljonen M. L. 2008 – Genetic differentiation among European whitefish ecotypes based on microsatellite data – Hereditas 145: 69-83.
- Strabel T. 2006 – Genetyka cech ilościowych zwierząt w praktyce. Materiały do zajęć – Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu, Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt (http://kgohz.sggw.pl/metody_pliki/gci.pdf).
- Szczepkowski M., Szczepkowska B., Wunderlich K., Krzywosz T., Stabiński R. 2010 – Prace prowadzone dla zachowania siei w jeziorach Pojezierza Mazurskiego i Suwalskiego – W: Zrównoważone korzystanie z zasobów rybackich na tle ich stanu w 2009 roku (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 99-107.
- Witek-Zawada B., Radko A. 2006 – Polimorfizm 11 loci mikrosatelitarnych u bydła rasy polskiej czerwonej – Rocz. Nauk. Zoot. 33, 1: 5-12
- Wotos A., Mickiewicz M. 1998 – Charakterystyka jezior oraz gospodarki siewną i sieją – W: Gospodarka koregonidami uwarunkowania i efektywność (Red. A. Wotos i M. Bnińska), Wyd. IRS, Olsztyn: 9-15.
- Wotos A., Draszkiwicz-Mioduszevska H., Mickiewicz M. 2003 – 2002 rok w jeziorowej produkcji rybackiej – podstawowe dane i prawidłowości – W: Rybactwo 2002 (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 7-16.
- Wotos A., Draszkiwicz-Mioduszevska H., Mickiewicz M. 2004 – Jeziorowa produkcja rybacka w 2003 roku – podstawowe dane i prawidłowości – W: Stan i uwarunkowania funkcjonowania rybactwa w 2003 roku (Red. M. Mickiewicz i A. Wotos), Wyd. IRS, Olsztyn: 5-14.
- Wotos A., Draszkiwicz-Mioduszevska H., Mickiewicz M. 2005 – Analiza jeziorowej produkcji rybackiej w 2004 roku – W: Rybactwo w jeziorach, rzekach i zbiornikach zaporowych w 2004 roku (Red. M. Mickiewicz i A. Wotos), Wyd. IRS, Olsztyn: 5-14.
- Wotos A., Mickiewicz M. 2006 – Analiza Jeziorowej produkcji rybackiej w 2005 roku – W: Gospodarka rybacka w jeziorach, rzekach i zbiornikach zaporowych w 2005 roku (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 5-12.
- Wotos A., Mickiewicz M., Draszkiwicz-Mioduszevska H. 2007 – Analiza jeziorowej produkcji rybackiej w 2006 roku – W: Stan rybactwa w jeziorach, rzekach i zbiornikach zaporowych w 2006 (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 5-14.
- Wotos A., Mickiewicz M., Draszkiwicz-Mioduszevska H. 2008 – Analiza jeziorowej produkcji rybackiej w 2007 roku – W: Stan i uwarunkowania gospodarki rybackiej prowadzonej w wodach śródlądowych (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 5-14.
- Wotos A., Mickiewicz M., Draszkiwicz-Mioduszevska H. 2009 – Analiza jeziorowej produkcji rybackiej w 2008 roku – W: Stan i uwarunkowania rozwoju rybactwa śródlądowego (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 5-17.
- Wotos A., Mickiewicz M., Draszkiwicz-Mioduszevska H. 2010 – Analiza Jeziorowej produkcji rybackiej w 2009 roku – W: Zrównoważone korzystanie z zasobów rybackich na tle ich stanu w 2009 roku (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 7-18.
- Wotos A., Mickiewicz M., Draszkiwicz-Mioduszevska H. 2011 – Analiza jeziorowej produkcji rybackiej w 2010 roku – W: Zrównoważone korzystanie z zasobów rybackich na tle ich stanu w 2010 roku (Red. M. Mickiewicz), Wyd. IRS, Olsztyn: 7-18.
- Wunderlich K., Zakęś Z., Szczepkowski M., Kolman R., Kozłowski M. 2007 – Zastosowanie elektronicznych znaczków u różnych gatunków ryb – Komun. Ryb. 5: 5-8.
- Zacharczyk K. 2007 – Gdzie ta sieja? – Wiadomości Wędkarskie 2: 18-19.

Przyjęto po recenzji 15.06.2012 r.

GENETIC VARIATION OF WHITEFISH (*COREGONUS LAVARETUS*, LINNAEUS, 1758) FROM LAKE VISTYTIS USING MICROSATELLITE DNA MARKERS

Marek Trella, Dorota Fopp-Bayat, Mirosław Szczepkowski, Agnieszka Polak

Abstract. The aim of the present study was to assess the genetic variability of whitefish (*Coregonus lavaretus* L.) from Lake Vistytis using microsatellite DNA markers. The genetic analysis indicated a high level of polymorphism at the investigated microsatellite loci with 78 alleles identified among four microsatellite markers. The average values of the H_e , H_o , and PIC parameters were 0.92, 0.85, and 0.89, respectively, and were high for all the studied loci. The present genetic analysis is the first molecular study of the whitefish population from Lake Vistytis.

Keywords: genetic variability, whitefish, microsatellite DNA, genetic markers